

(pieczęć wydziału)

KARTA PRZEDMIOTU

--	--	--

1. . Nazwa przedmiotu: BIOINFORMATICS		2. Kod przedmiotu:		
3. Karta przedmiotu ważna od roku akademickiego: 2018/2019				
4. Forma kształcenia: studia trzeciego stopnia				
5. Forma studiów: studia stacjonarne				
6. Studia: AIDA Interdyscyplinarne studia doktoranckie w zakresie przetwarzania i analizy danych.				
7. Profil studiów: akademicki				
8. Dyscyplina:				
9. Rok:				
10. Jednostka prowadząca przedmiot:				
11. Prowadzący przedmiot:				
12. Przynależność do grupy przedmiotów: moduł obowiązkowy				
13. Status przedmiotu:				
14. Język prowadzenia zajęć: angielski				
15. Przedmioty wprowadzające oraz wymagania wstępne:				
16. Cel przedmiotu: The aim of the course is making participants familiar with aspects of the application of mathematical and computational methods to biology and medicine. The presentation is focused on engineering aspects of bioinformatics				
17. Efekty kształcenia:¹				
Nr	Opis efektu kształcenia	Metoda sprawdzenia efektu kształcenia	Forma prowadzenia zajęć	Odniesienie do efektów dla kierunku studiów
	The participant is familiar with basic problems addressed in bioinformatics	Lecture discussions	W	RAU_AIDA_W01 RAU_AIDA_W02

¹ należy wskazać ok. 4 – 5 efektów kształcenia

	research			
	The student knows principles of phylogenetic analyses.	Lecture discussions		RAU_AIDA_W03
	The student can use bioinformatics software for phylogenetic analyses	Lecture discussions		RAU_AIDA_U06 RAU_AIDA_U11
	The student understands problems in evolutionary bioinformatics	Lecture discussions		RAU_AIDA_W07 RAU_AIDA_K04
	The student knows methods of Gillespie simulations of complex systems	Lecture discussions		RAU_AIDA_U07 RAU_AIDA_U12
	The student understands bioinformatics ontologies	Lecture discussions		RAU_AIDA_U07 RAU_AIDA_U16
18. Formy zajęć dydaktycznych i ich wymiar (liczba godzin) W. 10 Ćw. - L. - P. - Sem. -				
19 Treści kształcenia: Estimation of phylogenetic models. Topology and metrics of trees. Joining neighbours, maximum parsimony, maximum likelihood trees. Evolutionary coalescence theory. Genomic aspects. Felsenstein – Churchill algorithm. Wright-Fisher and Moran model. Neutral versus selective models. Branching processes. Genetic pathways. Complex interactions. Gillespie algorithm and its variations. GO analyses. Statistical aspects. Rule-based GO analyses.				
20. Egzamin: brak				
21. Literatura podstawowa: Ewens W. J., Grant G. R., (2001), Statistical Methods in Bioinformatics, Springer, New York. Polanski A., Kimmel M., Bioinformatics, Springer, 2007.				
22. Literatura uzupełniająca: Baxevanis A., Ouellette B. F., (eds), (1998), Bioinformatics, A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins, Willey. Mount D.W., (2000), Bioinformatics, Sequence and Genome Analysis, Cold Spring Laboratory Press.				
23. Nakład pracy studenta potrzebny do osiągnięcia efektów kształcenia				
Lp.	Forma zajęć	Liczba godzin kontaktowych / pracy studenta		

1	Wykład	10/10
2	Ćwiczenia	/
3	Laboratorium	/
4	Projekt	/
5	Seminarium	/
6	Inne (przygotowanie do zajęć)	0 /15
	Suma godzin	10 / 25
24. Suma wszystkich godzin: 35		
25. Liczba punktów ECTS: 1		
26. Liczba punktów ECTS uzyskanych na zajęciach z bezpośrednim udziałem nauczyciela akademickiego: 1		
27. Liczba punktów ECTS uzyskanych na zajęciach o charakterze praktycznym (laboratoria, projekty):		
26. Uwagi:		

Zatwierdzono:

.....

(data i podpis kierownika studiów doktoranckich)